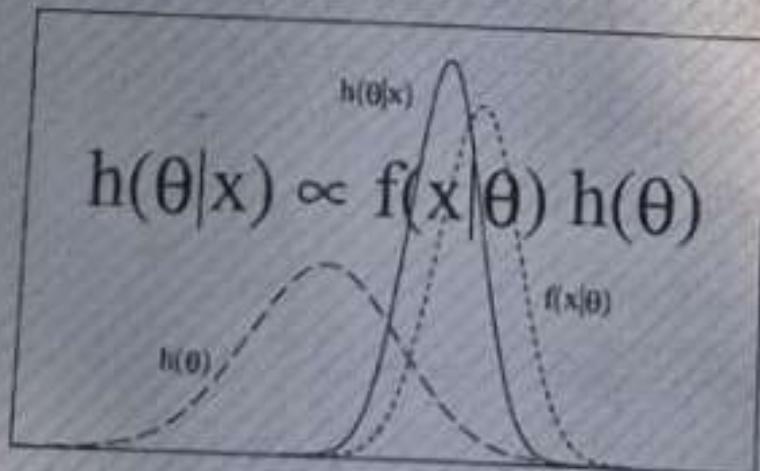


ESTATÍSTICA BAYESIANA



N.Cham 519.22 P328e

* Autor: Paulino, Carlos Daniel.
Título: Estatística bayesiana



202890703

Az. 375001

BC

EDUCAÇÃO E BOLSAS

STE GULBENKIAN | LISBOA

9.3 Calibração de doses de radiação – Regressão Poisson

9.3.1 Objectivo do estudo e introdução ao problema

Depois da exposição accidental quer a valores baixos ou elevados de radiação, é importante poder dar informação precisa sobre a dose de radiação a que vítimas do acidente foram expostas. Uma informação inicial (*a priori*) sobre esta dose de radiação pode ser obtida através de dosímetros pessoais e através de avaliação médica qualificada. A quantidade de incerteza associada a esta avaliação é porém elevada. Para reduzir essa quantidade de incerteza, Groer e Pereira (1986) propõem um método que permite obter uma densidade de calibração da dose de radiação desconhecida a que uma vítima foi exposta, combinando aquela informação *a priori* com informação sobre o número de aberrações cromossómicas observadas numa amostra de n células da vítima pouco tempo decorrido após a exposição e com dados obtidos em experiências controladas *in vitro*. Tipicamente, em experiências desta natureza, n_f células são expostas a doses de radiação d_f , rigorosamente controladas pelo experimentador, observando-se ao microscópio o número de aberrações cromossómicas y_f resultantes. A densidade de calibração da dose de radiação desconhecida d_f , (onde o índice f é relativo a um futuro indivíduo acidentado), assim obtida caracteriza a incerteza acerca da dose de radiação após consideração da informação *a priori* e dos dados existentes, permitindo ao médico decidir se a vítima em questão necessita ou não de tratamento.

De acordo com a literatura especializada, Groer e Pereira (1986) sugerem utilizar para Y – o número de aberrações cromossómicas induzidas por uma dose de radiação conhecida d numa amostra de n células – uma distribuição de Poisson de valor médio $\mu = \alpha n d$, onde α é um parâmetro desconhecido. Usando distribuições *a priori* Gama para α e para d_f obtém uma forma analítica para a densidade de calibração da dose de radiação a que uma vítima foi sujeita, após incorporação de informação sobre o número y_f de aberrações cromossómicas observadas no indivíduo numa amostra de n_f células e dos dados de uma experiência *in vitro*. Este modelo, tal como eles observam, não é adequado para doses baixas de radiação.

O modelo $Y \sim Poi[n(\alpha_0 + \alpha d + \beta d^2)]$ é outro modelo sugerido na literatura especializada, principalmente para dados relativos a doses de radiação baixa. No entanto para este modelo já não é possível encontrar uma forma analítica para a densidade de calibração e portanto já não é desenvolvido nesse trabalho.

Nesta secção ir-se-á refazer a análise de Groer e Pereira utilizando para Y um modelo de regressão de Poisson sugerido em Leonard (2000), isto é, admitindo que $Y \sim Poi(\mu)$ com $\log(\mu) = \beta_0 + \beta_1 \log(n) + \beta_2 \log(d)$. Este modelo corresponde ao modelo de Groer e Pereira quando $\beta_1 = \beta_2 = 1$. Será ainda analisado o modelo $Y \sim Poi[n(\alpha_0 + \alpha d + \beta d^2)]$.

9.3.2 O problema de calibração do ponto de vista bayesiano

O problema de calibração ou calibragem é normalmente entendido como um processo de ajustamento da escala de um aparelho de medição à custa de uma experiência informativa (experiência de calibração) realizada para esse efeito. No entanto, o problema pode ser formalmente encarado com uma maior generalidade. Suponha-se, por

exemplo, que o resultado x de uma experiência está relacionado com o valor t de uma variável controlada através de um modelo de regressão linear simples. Uma experiência informativa resulta em n pares (x_i, t_i) . O objectivo do problema de calibração é o de saber qual o valor de t_f que deu origem a um valor observado x_f em uma experiência futura (aqui o futuro é entendido num sentido lato, pois pode ter acontecido, temporalmente, antes da própria experiência informativa). Neste caso tem-se um problema de regressão inversa.

O problema de calibração é tratado, do ponto de vista bayesiano, por Aitchison e Dunsmore (1975). Para formalizar o problema de calibração, considere-se então que a cada unidade experimental está associado um valor t de um conjunto bem especificado T . A este valor designa-se por índice da unidade experimental. No exemplo de regressão o índice será o valor da variável controlada. O objectivo do problema de calibração é o de identificar, o melhor possível, os índices desconhecidos de unidades experimentais. Designe-se por $\mathbf{z} = (\mathbf{x}, \mathbf{t}) = \{(x_1, t_1), \dots, (x_n, t_n)\}$ o resultado de uma experiência de calibração com n unidades experimentais, onde se identificou, para cada unidade, x e o índice t . Suponha-se que são válidas as seguintes hipóteses:

- A distribuição do vector Z é $f(t, x|\omega) = f(t|\psi)f(x|t, \theta)$ onde o espaço paramétrico Ω se decompõe no produto cartesiano de dois espaços paramétricos, isto é, $\omega = (\psi, \theta) \in \Omega = \Psi \times \Theta$.
- Os parâmetros ψ e θ são independentes *a priori* e portanto a distribuição *a priori* para $h(\omega)$ pode escrever-se na forma $h(\omega) = h(\psi)h(\theta)$.
- Unidades experimentais futuras seguem o mesmo padrão, isto é, se u designar o índice de uma unidade experimental futura para a qual se observou y tem-se que $f(u|\omega) = f(u|\psi)$ e $f(y|t, \omega) = f(y|t, \theta)$.

Assim tem-se que:

$$\begin{aligned} h(u, \psi, \theta|y, \mathbf{z}) &\propto f(y, \mathbf{z}|u, \psi, \theta)h(u, \psi, \theta) \\ &\propto f(y, \mathbf{x}, \mathbf{t}|u, \psi, \theta)f(u|\psi)h(\psi)h(\theta) \\ &\propto f(t|\psi)f(x|t, \theta)f(y|u, \theta)f(u|\psi)h(\theta)h(\psi) \\ &\propto f(u|\psi)h(\psi|t)h(\theta|\mathbf{z})f(y|u, \theta) \end{aligned}$$

e portanto a distribuição de calibração é:

$$p(u|y, \mathbf{z}) \propto \int \left[\int f(u|\psi)h(\psi|t)d\psi \right] f(y|u, \theta)h(\theta|\mathbf{z})d\theta \quad (9.10)$$

$$\propto p(u|t)p(y|u, \mathbf{z}). \quad (9.11)$$

O problema de calibração pode assim ser encarado como um problema inverso da predição, embora a distribuição preditiva desempenhe um papel predominante.

Voltando ao exemplo apresentado na introdução, designe-se por $\mathcal{D} = \{(y_i, n_i, d_i), i = 1, \dots, m\}$ o conjunto de todos os dados resultantes de uma experiência *in vitro* em que n_i células são expostas a uma dose conhecida de radiação d_i , tendo-se observado y_i aberrações. Seja ainda y_f, n_f os dados obtidos de uma vítima de exposição a uma dose d_f desconhecida de radiação. Suponha-se que $Y_i, i = 1, \dots, m$

são mutuamente independentes com distribuição $f(y_i | n_i, d_i, \beta)$ onde β é um vector de parâmetros desconhecido. Admita-se ainda que, dado β , Y_f é independente dos Y_i e d_f é independente de \mathcal{D} .

A densidade de calibração de d_f é assim:

$$\begin{aligned} p(d_f | y_f, n_f, \mathcal{D}) &= \int h(d_f, \beta | y_f, n_f, \mathcal{D}) d\beta \\ &= \int h(d_f | \beta, y_f, n_f, \mathcal{D}) h(\beta | y_f, n_f, \mathcal{D}) d\beta \\ &= \int \frac{f(y_f | n_f, d_f, \beta) h(d_f | \beta)}{f(y_f | n_f, \beta)} \frac{f(y_f | n_f, \beta) h(\beta | \mathcal{D})}{f(y_f | n_f, \mathcal{D})} d\beta \\ &= \int \frac{f(y_f | n_f, d_f, \beta) h(d_f)}{f(y_f | n_f, \beta)} \frac{f(y_f | n_f, \beta) h(\beta | \mathcal{D})}{p(y_f | n_f, \mathcal{D})} d\beta \\ &\propto h(d_f) p(y_f | n_f, d_f, \mathcal{D}) \end{aligned}$$

onde $h(d_f)$ é a distribuição *a priori* para d_f a qual se supõe ser independente de β .

Esta equação estabelece que a densidade de calibração de d_f é proporcional à distribuição *a priori* para d_f e à densidade preditiva de um número futuro de aberrações cromossómicas resultantes. Note-se que ela é idêntica a (9.11). A diferença reside no facto de neste caso as doses de radiação d_i experimentais serem fixas e não aleatórias.

Supondo que $Y \sim Poi(\alpha \eta d)$, $\alpha \sim Ga(a, b)$, $d_f \sim Ga(c, e)$, é fácil de mostrar que a distribuição preditiva de Y_f é binomial negativa, isto é

$$p(y_f | n_f, d_f, \mathcal{D}) = \binom{y_f + A - 1}{A - 1} \left(\frac{B}{n_f d_f + B} \right)^A \left(\frac{n_f d_f}{n_f d_f + B} \right)^{y_f}, \quad y_f = 0, 1, \dots,$$

sendo o valor médio e variância, respectivamente, dados por

$$E[Y_f | n_f, d_f, \mathcal{D}] = \frac{An_f d_f}{B}, \quad \text{var}[Y_f | n_f, d_f, \mathcal{D}] = \frac{An_f d_f(n_f d_f + B)}{(B)^2},$$

e que

$$p(d_f | y_f, n_f, \mathcal{D}) \propto d_f^{C-1} (d_f + E)^{-(A+y_f)} \exp(-Bd_f),$$

onde $C = c + y_f$, $E = \frac{e + \sum_{i=1}^m n_i d_i}{n_f}$, $A = \sum_{i=1}^m y_i + a$ e $B = b + \sum_{i=1}^m n_i d_i$.

9.3.3 Aplicação aos dados

Nesta secção ir-se-á aplicar a teoria descrita considerando:

- (i) o modelo de regressão de Poisson previamente descrito para o número de aberrações cromossómicas, isto é

$$Y \sim Poi(\mu), \quad \log(\mu) = \beta_0 + \beta_1 \log(n) + \beta_2 \log(d),$$

os modelos propostos em Groer e Pereira (1986) nomeadamente,

- (ii)

$$Y \sim Poi(\mu), \quad \mu = \alpha n d,$$

Tabela 9.9: Dados de radiação por neutrões Po-Be.

i	y_i	Nº de células (1000) n_i	nível de dose d_i (rad)
1	109	269	50
2	47	78	75
3	94	115	100
4	114	90	150
5	138	84	200
6	125	59	250
7	97	37	300
f_1	64	104	d_{f_1}
f_2	8	13	d_{f_2}

Tabela 9.10: Dados de radiação – *The Lundsteen-Piper (1989) lymphocyte data*.

i	y_i	Nº de células (1000) n_i	nível de dose d_i (rad)
1	0	585	0.10
2	3	1002	0.20
3	5	472	0.50
4	14	493	1.00
5	30	408	1.50
6	75	690	2.00
7	46	291	3.00
f_1	20	700	d_{f_1}

(iii)

$$Y \sim Poi(\mu), \quad \mu = n(\alpha_0 + \alpha_1 d + \alpha_2 d^2).$$

Os dados utilizados encontram-se nas Tabelas 9.9 e 9.10. As últimas linhas das tabelas dizem respeito a observações de indivíduos futuros para os quais se pretende obter uma densidade de calibração para a dose de radiação desconhecida a que foram expostos.

Começar-se-á com o estudo da adequabilidade dos modelos em estudo e consequente selecção do melhor modelo para cada conjunto de dados, utilizando para tal as técnicas sugeridas na Secção 8.4.

Dado que não é possível obter, para os modelos em consideração (i) e (iii), expressões analíticas quer para a distribuição preditiva de y_f , quer para a densidade de calibração de d_f , utilizou-se o software WinBUGS para o efeito.

Para a obtenção dos resíduos de eliminação

$$d_{1i} = y_{i,obs} - E[Y_i|y_{(-i)}] \quad d'_i = \frac{y_{i,obs} - E[Y_i|y_{(-i)}]}{\sqrt{\text{var}[Y_i|y_{(-i)}]}}$$

e das ordenadas preditivas condicionais (CPO)

$$p(y_i|y_{(-i)}) = \int f(y_i|\theta, y_{(-i)}) h(\theta|y_{(-i)}) d\theta,$$

em que θ denota o vector genérico dos parâmetros de cada modelo, os cálculos necessários foram feitos retirando do modelo uma observação de cada vez, já que a dimensão da amostra o permitia. Para os modelos (i) e (iii), em que se utilizou o software WinBUGS, e dado que se $Y \sim Poi(\mu)$, $E(Y|\mu) = var(Y|\mu) = \mu$, as ordenadas preditivas condicionais, os valores médios preditivos e as variâncias foram calculadas usando

$$\begin{aligned} p(y_{i,obs}|y_{(-i)}) &\approx \frac{1}{n} \sum_{j=1}^n \exp(-\mu_i^*) \frac{(\mu_i^*)^{y_{i,obs}}}{y_{i,obs}!}, \\ E[Y_i|y_{(-i)}] &\approx \frac{1}{n} \sum_{j=1}^n \mu_i^* \\ E[Y_i^2|y_{(-i)}] &\approx \frac{1}{n} \sum_{j=1}^n \mu_i^* + (\mu_i^*)^2, \\ var[Y_i|y_{(-i)}] &= E[Y_i^2|y_{(-i)}] - (E[Y_i|y_{(-i)}])^2, \end{aligned}$$

com base numa amostra $\{\theta_j^*, j = 1, \dots, n\}$ da distribuição *a posteriori* e $\mu_i^* = g(\theta_i^*)$ de acordo com o modelo considerado.

Informação *a priori*

Para cada um dos modelos em estudo foi considerada a seguinte informação *a priori*:

Modelo (i) $Y \sim Poi(\mu)$, $\log(\mu) = \beta_0 + \beta_1 \log(n) + \beta_2 \log(d)$

Admitiu-se que *a priori* os parâmetros do modelo β_0, β_1 e β_2 eram independentes e normalmente distribuídos com valores médios zero e variâncias elevadas (10000), o que corresponde a uma informação vaga.

Para a distribuição *a priori* de d_f para os dados da Tabela 9.9, seguiu-se a sugestão de Groer e Pereira, nomeadamente, $d_f \sim Ga(10, 0.1)$.

Modelo (ii) $Y \sim Poi(\mu)$, $\mu = \alpha d$,

Para este modelo considerou-se para α uma distribuição *a priori* Gama, $Ga(a, b)$. Duas situações foram estudadas: informação *a priori* vaga, isto é $a = b = 0$ e a informação *a priori* sugerida por Groer e Pereira, nomeadamente $a = 10, b = 1000$. Para a distribuição *a priori* de d_f para os dados da Tabela 9.10, seguiu-se novamente a sugestão de Groer e Pereira, isto é, $d_f \sim Ga(10, 0.1)$.

Modelo (iii) $Y \sim Poi(\mu)$, $\mu = n(\alpha_0 + \alpha_1 d + \alpha_2 d^2)$.

A escolha de uma distribuição *a priori* para os parâmetros deste modelo requer cuidados especiais. Em princípio, o espaço de parâmetros deste modelo é \mathbb{R}^3 , tal como para o modelo de regressão Poisson e, portanto, se se quiser admitir, por exemplo, uma distribuição *a priori* não informativa, poder-se-á considerar que os parâmetros são independentes *a priori* e uniformes em \mathbb{R} . No entanto, os parâmetros estão sujeitos à restrição $\alpha_0 + \alpha_1 d + \alpha_2 d^2 > 0$, o que traz problemas adicionais, principalmente se não se esperar para μ valores consideravelmente elevados, que é o que acontece com o segundo conjunto de dados. Um modo de ultrapassar o problema da restrição imposta aos parâmetros pelo facto de $\mu > 0$ é admitir que parâmetros são todos positivos. Esta hipótese é, por si própria, também restritiva.

Tabela 9.11: Estimativas pontuais e intervalos de credibilidade 95% para os parâmetros dos modelos – Dados da Tabela 9.9.*

Modelo	Parâmetro	média	desvio padrão	2.5%	mediana	97.5%
(i)	β_0	-4.752	1.39	-7.702	-4.701	-2.095
	β_1	0.9763	0.1549	0.6876	0.9719	1.294
	β_2	1.014	0.1477	0.7343	1.009	1.324
(ii-a)	α	0.008327	0.000309	0.007720	0.008327	0.008933
(ii-b)	α	0.008346	0.000308	0.007742	0.008346	0.008949
(iii-a)	α_0	0.01092	0.1202	-0.2093	0.01343	0.2523
	α_1	0.007805	0.002366	0.003093	0.007676	0.01217
	α_2	2.80E-06	8.29E-06	-1.25E-05	3.15E-06	1.91E-05
(iii-b)	α_0	0.09803	0.07159	0.005422	0.08338	0.2732
	α_1	0.006112	0.001407	0.002699	0.006365	0.008138
	α_2	8.43E-06	5.22E-06	6.54E-07	7.69E-06	2.06E-05
(iii-c)	α_0	0.08225	0.06138	0.003541	0.07004	0.228
	α_1	0.006361	0.001225	0.003612	0.006523	0.008224
	α_2	7.72E-06	4.67E-06	5.91E-07	7.17E-06	1.79E-05

*Modelo (i): modelo de Regressão de Poisson;

Modelo (ii-a): modelo de Groer e Pereira com distribuição *a priori* vaga, isto é, $a = b = 0$;

Modelo (ii-b): mesmo modelo com informação *a priori* $Ga(10, 1000)$;

Modelo (iii-a): modelo (iii) com distribuição *a priori* normal, usando truncatura;

Modelo (iii-b): modelo (iii) com distribuição *a priori* $Ga(1, 1)$;

Modelo (iii-c): modelo (iii) com distribuição *a priori* $Ga(1, 4)$.

Assim consideraram-se várias situações de informação *a priori*:

- Admitiu-se que *a priori* os parâmetros do modelo α_0, α_1 e α_2 eram independentes e normalmente distribuídos com valores médios zero e variâncias elevadas (10000), o que corresponde a uma informação vaga. Usou-se truncatura para μ , isto é, sempre que era gerado um valor de $\mu < 0$ ele era rejeitado. Para o primeiro conjunto de dados isto não representou problema, pois os valores de μ gerados eram sempre positivos. O mesmo já não aconteceu para o segundo conjunto de dados.
- Admitiu-se que *a priori* os parâmetros do modelo α_0, α_1 e α_2 eram independentes com distribuição Gama $Ga(a, b)$. Consideraram-se várias valores para os hiperparâmetros, tendo-se optado por restringir o estudo a duas situações $a = b = 1$, $a = 1, b = 4$.

Adequabilidade e comparação de Modelos

Como se referiu, antes de considerar o problema da calibração e de estimar a dose de radiação a que indivíduos futuros foram sujeitos, ir-se-á, para cada conjunto de dados, estudar a adequabilidade dos vários modelos em estudo e a seleção do melhor modelo.

Inicialmente ajustaram-se os modelos a cada conjunto de $m = 7$ dados. Nas Tabelas 9.11 e 9.12 apresenta-se um resumo do *output* do WinBUGS sobre as estatísticas relativas aos parâmetros dos modelos ajustados para os dois conjuntos de dados. Os resultados em relação ao modelo (ii) são exactos, isto é, foram obtidos usando a distribuição *a posteriori* Gama, $Ga(A, B)$, para α .

Tabela 9.12: Estimativas pontuais e intervalos de credibilidade 95% para os parâmetros dos modelos – Dados da Tabela 9.10.*

Modelo	Parâmetro	média	desvio padrão	2.5%	mediana	97.5%
(i)	β_0	-5.196	1.441	-8.031	-5.184	-2.4
	β_1	1.282	0.2248	0.8425	1.281	1.725
	β_2	1.638	0.1665	1.328	1.635	1.973
(ii-a)	α	0.044901	0.003414	0.038210	0.044901	0.051592
(ii-b)	α	0.037709	0.002788	0.032246	0.037709	0.043173
(iii-a)	α_0	-0.004058	0.002652	-0.009358	-0.003989	1.11E-03
	α_1	0.03266	0.01276	0.008598	0.03252	0.05873
	α_2	0.009432	0.005776	-0.001981	0.009382	0.02064
(iii-b)	α_0	0.001128	0.001041	3.12E-05	8.33E-04	0.003824
	α_1	0.01309	0.00715	0.001317	0.01246	0.02882
	α_2	0.01742	0.004023	0.008996	0.01762	0.02458
(iii-c)	α_0	0.001114	0.001038	3.27E-05	8.43E-04	0.003831
	α_1	0.01292	0.007111	0.001256	0.01234	0.02825
	α_2	0.01749	0.004002	0.00922	0.01767	0.02469

*Modelo (i) é o modelo de Regressão de Poisson,

Modelo (ii-a) é o modelo de Groer e Pereira com distribuição *a priori* vaga, isto é, $a = b = 0$,

Modelo (ii-b) é o mesmo modelo com informação *a priori* $Ga(10, 1000)$,

Modelo (iii-a) é o modelo (iii) com distribuição *a priori* normal, usando truncatura,

Modelo (iii-b) é o modelo (iii) com distribuição *a priori* $Ga(1, 1)$,

Modelo (iii-c) é o molde (iii) com distribuição *a priori* $Ga(1, 4)$.

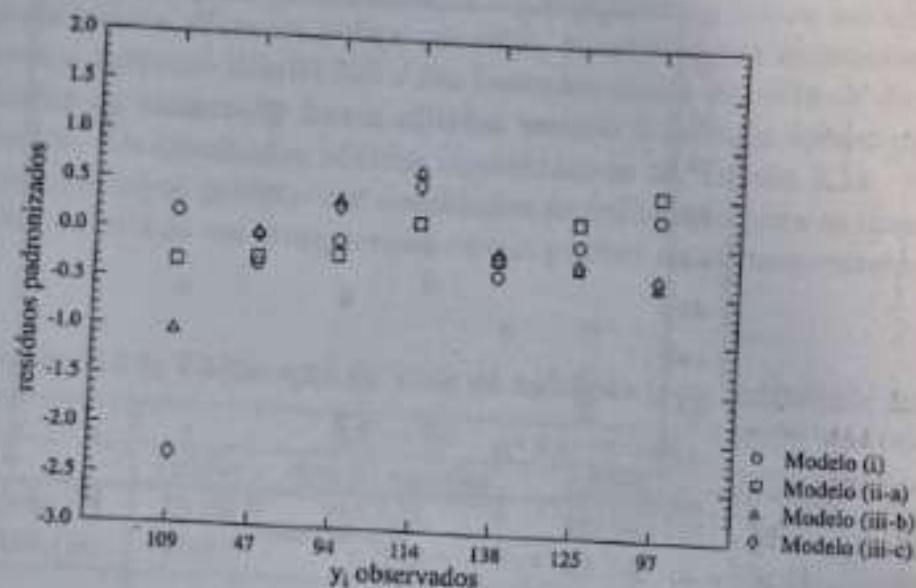
Através de uma análise preliminar destes resultados, pode-se pensar que, no que diz respeito ao modelo (i), a hipótese $\beta_1 = \beta_2 = 1$ (os modelos (i) e (ii) são idênticos) não será de rejeitar e como tal o modelo (ii) será preferível, já que tem menos parâmetros. Relativamente ao modelo (iii-a), verifica-se também que, possivelmente, não será de rejeitar a hipótese de $\alpha_0 = \alpha_2 = 0$, o que reduz novamente este modelo ao modelo (ii). Devido às dificuldades associadas ao seu estudo não se prosseguiu com a sua análise, preferindo continuar com os modelos (iii-b) e (iii-c).

Novamente através de uma análise preliminar destes resultados pode-se conjecturar que, nesta situação, os modelos (i) e (ii) são distintos. Com efeito, as estatísticas referentes ao parâmetro β_2 sugerem que um modelo adequado deve incluir uma potência de d maior que 1, mas não necessariamente 2, como admite o modelo (iii). Note-se agora uma diferença entre os modelos (ii-a) e (ii-b). Deve referir-se que a informação *a priori* sugerida em Groer e Pereira para α tinha sido eliciada para experiências com doses de radiação elevadas e, portanto, essa informação não é necessariamente a mais adequada nesta situação. Relativamente ao modelo (iii-a) parecem ser válidas conclusões semelhantes às tiradas com os dados anteriores. Haverá necessidade de efectuar uma análise mais cuidada de como lidar com a restrição imposta aos parâmetros, pois o método de truncatura utilizado pode não ser o mais adequado (veja-se, e.g., Chen *et al.*, 2000, cap. 6). Não parece haver diferenças significativas entre os modelos (iii-b) e (iii-c), aliás como seria de esperar.

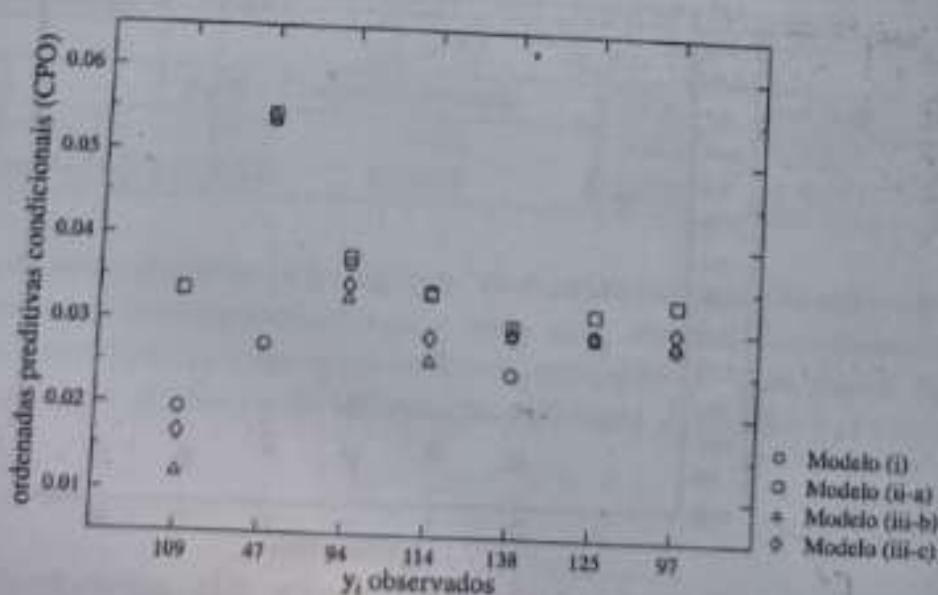
Para se fazer uma análise mais detalhada da adequabilidade dos diferentes modelos e seleccionar o melhor, reajustaram-se os diferentes modelos aos dados após retirar um caso de cada vez, permitindo assim obter uma avaliação mais precisa dos erros bayesianos de eliminação e das ordenadas preditivas condicionais, instrumentos que serão utilizados nessa análise.

Nas Figuras 9.4(a,b) e 9.5(a,b) apresentam-se gráficos, para os dados referentes

às Tabelas 9.9 e 9.10 respectivamente, dos resíduos bayesianos padronizados e das ordenadas preditivas condicionais para os modelos em competição. Na Tabela 9.13 encontram-se medidas sumárias dessas quantidades, nomeadamente, a soma dos quadrados dos resíduos padronizados (SQRS) e a soma dos logaritmos das ordenadas preditivas condicionais (SlnCPO), tal como é sugerido na Secção 8.4.2. Um bom modelo deverá ter um valor baixo de SQRS e elevado de (SlnCPO).



(a) resíduos de eliminação bayesianos padronizados;



(b) ordenadas preditivas condicionais.

Figura 9.4: Resultados da comparação de modelos relativos aos dados da Tabela 9.9.

Pela análise da Figura 9.4, observa-se que os modelos parecem ser todos adequados, embora a observação correspondente a $y_1 = 109$ não se encontre tão bem ajustada pelos modelos (i) e (iii). A observação correspondente a $y_2 = 47$ também não é bem ajustada pelo modelo (i). A observação da Figura 9.5 revela um padrão de resíduos estranho para todos os modelos, o que faz suspeitar da não adequabilidade da suposição de uma distribuição de Poisson para modelar o número de aberrações